

Министерство науки и высшего образования РФ
Правительство города Севастополя
Федеральное государственное бюджетное учреждение науки
Федеральный исследовательский центр
«Институт биологии южных морей имени А. О. Ковалевского РАН»
Всероссийское гидробиологическое общество при Российской академии наук
Русское географическое общество
Паразитологическое общество при Российской академии наук

Изучение водных и наземных экосистем: история и современность

Международная научная конференция, посвящённая 150-летию
Севастопольской биологической станции —
Института биологии южных морей имени А. О. Ковалевского
и 45-летию НИС «Профессор Водяницкий»

Тезисы докладов

13–18 сентября 2021 г.
Севастополь, Российская Федерация

Севастополь
ФИЦ ИНБЮМ
2021

Молекулярно-генетическая изменчивость *Gyrodactylus alviga*

Прохорова Д. А., Дмитриева Е. В., Водясова Е. А.

ФГБУН ФИЦ «Институт биологии южных морей имени А. О. Ковалевского РАН», Севастополь, Россия

d.prokhorova.sev@gmail.com

Моногении рода *Gyrodactylus* von Nordmann известны в связи с их высокой патогенностью. В Черноморско-Азовском регионе обнаружено 16 видов *Gyrodactylus*, из которых 5 являются видами-эндемиками, в том числе *Gyrodactylus alviga* Dmitrieva & Gerashev, 2000. Этот вид был описан от черноморского мерланга *Merlangius merlangus*. При морфологическом анализе было установлено, что *G. alviga* по строению прикрепительных структур наиболее схож с *Gyrodactylus callariatus* Malmberg, 1957, отличаясь лишь формой краевого крючка и меньшими размерами соединительной пластинки и срединного крючка. *G. alviga* был отнесён к группе видов *G. callariatus*.

Объектом исследования являлись моногении вида *G. alviga*, собранные с тела и плавников *M. merlangus*, который был выловлен в Балаклавской бухте в 2020 и 2021 гг. Выделение ДНК проводилось набором Analytik Jena innuPREP DNA Mini Kit, эллюция в 50 мкл, ДНК хранили при –20 °С. Для амплификации ITS рДНК использовали праймеры ITS1A (5'-GTAACAAGGTTTCCGTAGGTG-3') и ITS2 (5'-TCCTCCGCTTAGTGATA-3). Секвенирование ПЦР-продуктов проводилось в обоих направлениях с использованием стандартного набора BigDye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit на анализаторе ABI PRISM 3130 (Applied Biosystems Inc.).

Были получены последовательности рибосомальной ДНК длиной в среднем 997 bp, состоящей из ITS1, 5.8S, ITS2 и частично из 18S и 28S от трёх особей *G. alviga* с двух хозяев. Все последовательности размещены в генетическом банке данных GenBank (MZ411674, MZ411675, MZ411676). Для трёх особей было обнаружено 2 гаплотипа, которые отличаются на одну точечную мутацию, представляющую собой аллель С-Т в позиции 617 нуклеотида (регион ITS2).

Филогенетический анализ проводился на основе нуклеотидных последовательностей фрагментов 5.8S и ITS2 77 видов *Gyrodactylus* методом максимального правдоподобия, длина выравнивания составила 474 bp. Полученные последовательности *G. alviga* вошли в кладу с неизвестным видом *Gyrodactylus* sp. (JF836153) от *Microgadus tomcod* Walbaum, 1792 с Атлантического побережья Канады (идентичность 99,8 %), с *G. marinus* Burchowsky & Polyansky, 1953 (GQ150537) от *Gadus morhua* Linnaeus, 1758 из Норвегии (идентичность 98,88 %) и с *G. pterygialis* Burchowsky & Polyansky, 1953 (AJ581657) от *Pollachius virens* L., 1758 (идентичность 99,45 %). Последний вид относится к *G. callariatus*-group, с которым *G. alviga* близок морфологически. Последовательности самого *G. callariatus* в NCBI отсутствуют, в связи с чем оценить генетическую дивергенцию с *G. alviga* невозможно. Все проанализированные виды являются паразитами тресковых рыб (Gadidae Rafinesque, 1810), что согласуется с данными по их филогенезу.

Работа выполнена в рамках государственной темы ФИЦ ИнБЮМ № 121030100028-0 и гранта РФФИ № 20-44-920004.